

HERRAMIENTAS GENÓMICAS PARA EL MEJORAMIENTO DE ESPECIES DE INTERÉS PRODUCTIVO

INSTRUCTOR	María Muñoz-Amatriaín, Department of Botany and Plant Sciences, University of California Riverside (USA).
OBJETIVO	Familiarizarse con el manejo de miles de marcadores moleculares tipo SNP y utilizarlos para el desarrollo de mapas genéticos, y para la caracterización y uso de colecciones de germoplasma en la identificación de genes asociados a caracteres de interés agronómico.
CONTENIDO	<ol style="list-style-type: none">1. Construcción de mapas genéticos (individuales y consenso).2. Análisis de la estructura genética poblacional: PCA ('principal component analysis') y STRUCTURE.3. Genome-wide association studies (GWAS).4. Identificación de genes candidatos.
REQUISITOS	Cada participante deberá traer su propio laptop y tener descargados "TASSEL version 5.0 Standalone" (http://www.maizegenetics.net/#!tassel/c17q9) y "STRUCTURE 2.3.4" (http://pritchardlab.stanford.edu/structure_software/release_versions/v2.3.4/html/structure.html).